

Query Match	95.9%	Score 1695.2;	DB 6;	Length 2129;
Best Local Similarity	97.8%	Pred. No. 0;	Mismatches 0;	Indels 1;
Matches 1729;	Conservative	Indels 1;	Gaps 1;	
QY 1 ATATGAGGCTTATCGCGGATAGAGGGCACATCCAGCGGCACATGGCAAATCATATCG	60	Db 1773 ATATGAGGCTTATCGCGGATAGAGGGCACATCCAGCGGCACATGGCAAATCATATCG	1714	
QY 61 ATCTATACATGGAATGCAATTGGCATTAGGCATATGGCATATTCATGGTTATAGATAA	120	Db 61 ATCTATACATGGAATGCAATTGGCATTAGGCATATGGCATATTCATGGTTATAGATAA	1714	
QY 1713 ATCTATACATGGAATGCAATTGGCATTAGGCATATTCATGGTTATAGATAA	1654	Db 1713 ATCTATACATGGAATGCAATTGGCATTAGGCATATTCATGGTTATAGATAA	1654	
QY 121 ATCAATATGGCTATGGCATATGCATGTCATCTGATGATGGATATGGTATAGATAA	180	Db 121 ATCAATATGGCTATGGCATATGCATGTCATCTGATGATGGATATGGTATAGATAA	180	
Db 1653 ATCAATATGGCTATGGCATATGCATGTCATCTGATGATGGATATGGTATAGATAA	1594	Db 1653 ATCAATATGGCTATGGCATATGCATGTCATCTGATGATGGATATGGTATAGATAA	1594	
QY 181 ATGGGCCATGCTTCAATATGACGCCATGTGACATGATGGATATGGTATAGATAA	240	Db 181 ATGGGCCATGCTTCAATATGACGCCATGTGACATGATGGATATGGTATAGATAA	240	
QY 1593 ATGGGCCATGCTTCAATACATACGGCATGTGACATGATGGATATGGTATAGATAA	1534	Db 1593 ATGGGCCATGCTTCAATACATACGGCATGTGACATGATGGATATGGTATAGATAA	1534	
QY 241 TATCAATTAGGGCTATTAGTCATAGCCATTATGGACTTCGGCTTACATACTT	300	Db 241 TATCAATTAGGGCTATTAGTCATAGCCATTATGGACTTCGGCTTACATACTT	300	
Db 1533 TATCAATTAGGGCTATTAGTCATAGCCATTATGGACTTCGGCTTACATACTT	1474	Db 1533 TATCAATTAGGGCTATTAGTCATAGCCATTATGGACTTCGGCTTACATACTT	1474	
QY 301 ACGTTAAATGGCCCGCCCTGCTGACGCCAACGCCACCCCCCCCCTGAGCTAAATG	360	Db 301 ACGTTAAATGGCCCGCCCTGCTGACGCCAACGCCACCCCCCCCCTGAGCTAAATG	360	
QY 1473 ACGTAATGGCCCGCCCTGCTGACGCCAACGCCACCCCCGCCCTGAGCTAAATG	1414	Db 1473 ACGTAATGGCCCGCCCTGCTGACGCCAACGCCACCCCCGCCCTGAGCTAAATG	1414	
QY 361 ACGGTATGTTCCATAGTAACGCCAATGGGACTTCATTAGCAGCAAGGGAGTAT	420	Db 361 ACGGTATGTTCCATAGTAACGCCAATGGGACTTCATTAGCAGCAAGGGAGTAT	420	
Db 1413 ACGTAATGTTCCATAGTAACGCCAATGGGACTTCATTAGCAGCAAGGGAGTAT	1354	Db 1413 ACGTAATGTTCCATAGTAACGCCAATGGGACTTCATTAGCAGCAAGGGAGTAT	1354	
QY 421 TRACGGTAATGCGACCTTGCGAGAACACCCGCCCTGGCATATGCCATAGCTATG	480	Db 421 TRACGGTAATGCGACCTTGCGAGAACACCCGCCCTGGCATATGCCATAGCTATG	480	
Db 1353 TRACGGTAATGCGACCTTGCGAGAACACCCGCCCTGGCATATGCCATAGCTATG	1294	Db 1353 TRACGGTAATGCGACCTTGCGAGAACACCCGCCCTGGCATATGCCATAGCTATG	1294	
QY 481 ATATGACGTCATGAGGTAATGGCGCTGCTGAGATATGCCATACATGGCTACGG	540	Db 481 ATATGACGTCATGAGGTAATGGCGCTGCTGAGATATGCCATACATGGCTACGG	540	
Db 1293 ATATGACGTCATGAGGTAATGGCGCTGCTGAGATATGCCATACATGGCTACGG	1234	Db 1293 ATATGACGTCATGAGGTAATGGCGCTGCTGAGATATGCCATACATGGCTACGG	1234	
QY 541 GACTTTCCTACTTGCGAGTACATCTAGTATTCATCGTTATCCATGGTATGGCGG	600	Db 541 GACTTTCCTACTTGCGAGTACATCTAGTATTCATCGTTATCCATGGTATGGCGG	600	
Db 1233 GACTTTCCTACTTGCGAGTACATCTAGTATTCATGGTATGGTATGGCGG	1174	Db 1233 GACTTTCCTACTTGCGAGTACATCTAGTATTCATGGTATGGTATGGCGG	1174	
QY 601 TTGGCGAGTACATCAATGGCGCTGCTGAGATATGCCATACATGGCTACGGG	660	Db 601 TTGGCGAGTACATCAATGGCGCTGCTGAGATATGCCATACATGGCTACGGG	660	
Db 1173 TTGGCGAGTACATCAATGGCGCTGCTGAGATATGCCATACATGGCTACGGG	1114	Db 1173 TTGGCGAGTACATCAATGGCGCTGCTGAGATATGCCATACATGGCTACGGG	1114	
QY 661 CACCCCATGGCTAACGGGACTTCCAA	720	Db 661 CACCCCATGGCTAACGGGACTTCCAA	720	
Db 1113 CACCCCATGGCTAACGGGACTTCCAA	1054	Db 1113 CACCCCATGGCTAACGGGACTTCCAA	1054	
QY 721 TGTGTATAACCGCCGCCGTTGACCCAATGGCGCTGACGCCAACGGGTTGGGTC	780	Db 721 TGTGTATAACCGCCGCCGTTGACCCAATGGCGCTGACGCCAACGGGTTGGGTC	780	
Db 1053 TGTGTATAACCGCCGCCGTTGACCCAATGGCGCTGACGCCAACGGGTTGGGTC	994	Db 1053 TGTGTATAACCGCCGCCGTTGACCCAATGGCGCTGACGCCAACGGGTTGGGTC	994	
QY 781 TATATAAGCAGAGCTCGTTAGTGAACCGCTGAGTCGCCTGAGGGCATACCGCTG	840	Db 781 TATATAAGCAGAGCTCGTTAGTGAACCGCTGAGTCGCCTGAGGGCATACCGCTG	840	
Db 993 TATATAAGCAGAGCTCGTTAGTGAACCGCTGAGTCGCCTGAGGGCATACCGCTG	934	Db 993 TATATAAGCAGAGCTCGTTAGTGAACCGCTGAGTCGCCTGAGGGCATACCGCTG	934	
QY 841 TTGACCTTCATAGAGAACGGGACGGCTCCAGCGGGGAAACGGTCAATTAGCTG	900	Db 841 TTGACCTTCATAGAGAACGGGACGGCTCCAGCGGGGAAACGGTCAATTAGCTG	900	
Db 933 TTGACCTTCATAGAGAACGGGACGGCTCCAGCGGGGAAACGGTCAATTAGCTG	874	Db 933 TTGACCTTCATAGAGAACGGGACGGCTCCAGCGGGGAAACGGTCAATTAGCTG	874	
QY 901 GAAAGGGGATTCGGCTGAGAGTAGAGTAGAGTAGAGTAGAGTAGAGTAGAGTAGA	960	Db 901 GAAAGGGGATTCGGCTGAGAGTAGAGTAGAGTAGAGTAGAGTAGAGTAGAGTAGA	960	
Db 873 GAAAGGGGATTCGGCTGAGAGTAGAGTAGAGTAGAGTAGAGTAGAGTAGAGTAGA	814	Db 873 GAAAGGGGATTCGGCTGAGAGTAGAGTAGAGTAGAGTAGAGTAGAGTAGAGTAGA	814	
QY 961 ACCCCCTGGCTCTATGCTACTGTTGGCTGAGCTATAGCTGCTACCCCGC	1019	Db 961 ACCCCCTGGCTCTATGCTACTGTTGGCTGAGCTATAGCTGCTACCCCGC	1019	
Db 813 ACCCCCTGGCTCTATGCTACTGTTGGCTGAGCTATAGCTGCTACCCCGC	754	Db 813 ACCCCCTGGCTCTATGCTACTGTTGGCTGAGCTATAGCTGCTACCCCGC	754	
1020 TCTCTAATGCTATAGGTGATGGTATGGCTATAGGGTGGGTATGACCAATT	1079	/note="promoter-enhancer hCMV-MIE"		

BASE COUNT	517 a	509 c	519 g	588 t
ORIGIN				
Query Match	95.9%	Score 1695.2;	DB 6;	Length 2133;
Best Local Similarity	97.8%	Pred. No. 0;		
Matches	1729;	Conservative	0;	Mismatches
QY	1 ATATGGGTATATCGCGATAGGGCACATCAAGCCGACATGGCATATGC 60	Indels	1;	Gaps
Db	357 ATATGGGTATATCGCGATAGGGCACATCAAGCCGACATGGCATATGC 416			
QY	61 ATCTATACATGATAATTTGCCAATTAGCCATATTTCATGGTTATAGCATAA 120			
Db	417 ATCTATACATGATAATTTGCCAATTAGCCATATTTCATGGTTATAGCATAA 476			
QY	121 ATCAATATGGTATGGCATTAGCATAGTGTTGTCGCTATAGTCATTT 180			
Db	477 ATCAATATGGTATGGCATTAGCATAGTGTTGTCGCTATAGTCATTT 536			
QY	181 ATGGCCCAGTGCACATATGACGCCATGGTACATGGTATTAGTAGTATTAG 240			
Db	537 ATGGCTCATGCCAACATACAGCCATGTCATGTCATGTTAGTACTAGTATTAG 596			
QY	241 TAATCAATTACGGGCAATAGTCATAGCCATATAGGACTTCGCTTACATACT 300			
Db	597 TAATCAATTACGGGCAATAGTCATAGCCATATAGGACTTCGCTTACATACT 656			
QY	301 ACGTAATAGGCCSCTGCTGACGCCAACACCCGCCATTAGTCATAATG 360			
Db	657 ACGTAATAGGCCSCTGCTGACGCCAACACCCGCCATTAGTCATAATG 716			
QY	361 ACGTATGTCGACATAGTCAGGCCAAATAGGACTTCATAGTCATAATG 420			
Db	717 ACGTATGTCGACATAGTCAGGCCAAATAGGACTTCATAGTCATAATG 776			
QY	421 TTAGGGAAACTGGCACTTGCACGTCACATAGCAAGTGTATCCAAAGTCCGCCCCCT 480			
Db	777 TTAGGGAAACTGGCACTTGCACGTCACATAGCAAGTGTATCCAAAGTCCGCCCCCT 836			
QY	481 ATGAGCTCATGAGGGAAATGGCCGCTGGCATTATGCCAGTCATGACCTACGG 540			
Db	837 ATGAGCTCATGAGGGAAATGGCCGCTGGCATTATGCCAGTCATGACCTACGG 896			
QY	541 GACTTCCTACTGGCACTACATCTGCAATTAGTCATTCCTATACCATGGTACGG 600			
Db	897 GACTTCCTACTGGCACTACATCTGCAATTAGTCATTCCTATACCATGGTACGG 1679			
QY	601 TTGGGAGTACATCAGTGGCGTGGATGCGCTTGACTCACGGATTCCAGTC 956			
Db	957 TTGGGAGTACATCAGTGGCGTGGATGCGCTTGACTCACGGATTCCAGTC 1016			
QY	661 CACCCGATGACCGCAATGGAGTTGGCACCACAAATCACGGATTCCAAA 720			
Db	1017 CACCCGATGACCGCAATGGAGTTGGCACCACAAATCACGGATTCCAAA 1076			
QY	721 TGTCTGATAAACCGCCGCTTGTACGAAATGGGGGTGTACGGGGAGTC 780			
Db	1077 TGTCTGATAAACCGCCGCTTGTACGAAATGGGGGTGTACGGGGAGTC 1136			
QY	781 TATATAGGAGACTCTGTTAGTGAACTGCTGAGTCGCTGAGACCGCTG 840			
Db	1137 TATATAGGAGACTCTGTTAGTGAACTGCTGAGACCGCTG 1196			
QY	841 TTGACCTCATGAGAACACCGGAGCGATCACCTCGCGCGGGAGCTGATT 900			
Db	1197 TTGACCTCATGAGAACACCGGAGCTGATT 1256			
QY	901 GGAAACGGGAGTCCCGTGCAGAGCTCACGGGACATCCAGCTGATT 1256			
Db	1257 GGAAACGGGAGTCCCGTGCAGAGCTCACGGGACATCCAGCTGATT 1316			
QY	961 ACCCTTGGCTCTATGCTATACGTTGGCTATGGCTATAGCC 1019			
FEATURES				
				Location/Qualifiers

RESULT 3
AX027785 AX027785 Sequence 4 from patent WO0043527. DNA linear PAT 16-SEP-2000
LOCUS DEFINITION ACCESSION VERSION
ORGANISM SOURCE
ARTIFICIAL
SEQUENCE
KEYWORD
SYNTHETIC CONSTRUCT.
SYNTHETIC CONSTRUCT.
ARTIFICIAL SEQUENCE.
1 (bases 1 to 1795)
TITLE
JOURNAL
PATENT: WO 0043527-A 4 27-JUL-2000;
(SMITHLINE BRECHAM BIOLOG (BE) ; BOLEN ALIX (BE) ; JACOBS PAUL
(BE) ; JACQUET ALAIN (BE) ; HAUMONT MICHELE (BE) ; MASSAER MARC
GEORGES FRANCIS (BE)

